

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problems Mailbox.**

①⑨ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
INSTITUT NATIONAL
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE
PARIS

①⑪ N° de publication :
(à n'utiliser que pour les
commandes de reproduction)

2 782 323

②① N° d'enregistrement national : **98 10338**

⑤① Int Cl⁷ : C 12 N 15/10, C 12 N 15/11, 5/10, 15/74, C 07 K 14/00

①②

DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

②② Date de dépôt : 12.08.98.

③① Priorité :

④③ Date de mise à la disposition du public de la
demande : 18.02.00 Bulletin 00/07.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de
recherche préliminaire : *Se reporter à la fin du
présent fascicule*

⑥① Références à d'autres documents nationaux
apparentés :

⑦① Demandeur(s) : *PROTEUS Société anonyme — FR.*

⑦② Inventeur(s) : DUPRET DANIEL, MASSON JEAN
MICHEL et LEFEVRE FABRICE.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire(s) : BREESE MAJEROWICZ.

⑤④ **PROCEDE DE PRODUCTION IN VITRO DE SEQUENCES POLYNUCLEOTIDIQUES RECOMBINEES,
BANQUES DE SEQUENCES ET SEQUENCES AINSI OBTENUES.**

⑤⑦ La présente invention se rapporte à une méthode de
production in vitro de séquences polynucléotidiques recom-
binées comprenant les étapes suivantes: (a) la fragmenta-
tion d'une banque initiale de séquences polynucléotidiques
double-brins, (b) la dénaturation des fragments issus de
l'étape (a) éventuellement en présence d'une ou plusieurs
matrice (s) d'assemblage, (c) l'hybridation desdits frag-
ments en présence d'une ou plusieurs matrice (s) d'assem-
blage si celle (s) -ci n'est (ne sont) pas présente (nt) à
l'étape (b), (d) la ligation desdits fragments, (e) le clonage
des séquences polynucléotidiques recombinaées.

FR 2 782 323 - A1



PROCÉDÉ DE PRODUCTION *IN VITRO* DE SÉQUENCES
POLYNUCLÉOTIDIQUES RECOMBINÉES, BANQUES DE SÉQUENCES ET
SÉQUENCES AINSI OBTENUES.

5

La présente invention se rapporte à une
méthode de production *in vitro* de séquences
polynucléotidiques recombinaées. L'invention vise tout
particulièrement à générer puis sélectionner des
10 séquences polynucléotidiques susceptibles de présenter
des propriétés avantageuses par rapport à des séquences
témoins et donc capables de conférer un phénotype
nouveau et/ou de produire des protéines nouvelles.

Différentes techniques ont été développées
15 pour favoriser la recombinaison *in vitro* entre
différentes séquences polynucléotidiques, parmi celles-
ci on peut citer plus particulièrement le DNA-Shuffling
(11) et le StEP (13) toutes deux fondées sur
l'utilisation de la PCR.

20 Le DNA-Shuffling comporte deux étapes, la
fragmentation aléatoire par la DNase I de séquences
polynucléotidiques, et une amplification par PCR dans
laquelle les fragments précédemment générés servent
d'amorces. A chaque étape d'hybridation, le changement
25 de matrice provoque des recombinaisons au niveau des
régions ayant des séquences homologues. Une
représentation schématique de cette méthode est donnée à
la figure 1A en annexe.

30 Le StEP consiste à mélanger différentes
séquences polynucléotidiques contenant diverses
mutations en présence d'une paire d'amorces. Ce mélange
est soumis à une réaction de type PCR dans laquelle les
étapes d'hybridation et de polymérisation sont
regroupées en une seule étape de très courte durée. Ces
35 conditions permettent l'hybridation des amorces mais
diminuent la vitesse de polymérisation, de façon à ce
que les fragments qui sont partiellement synthétisés

s'hybrident aléatoirement sur les séquences polynucléotidiques portant les différentes mutations, permettant ainsi la recombinaison. Une représentation schématique de cette méthode est donnée à la figure 1B en annexe.

Dans chacune de ces deux méthodes, l'étape de polymérisation est indispensable au processus de recombinaison. Ainsi, en fonction des polymérases choisies, cette étape de polymérisation peut être génératrice de mutations supplémentaires non souhaitées. En outre, à partir d'un certain nombre de cycles, le DNA-Shuffling et le StEP repose sur le principe de l'hybridation d'une "méga-amorce" (6) sur une matrice, ce qui entraîne probablement des difficultés de mise en oeuvre pour des séquences polynucléotidiques dont la taille est supérieure à 1,5 Kpb (10). Enfin, ces deux techniques ne permettent pas de contrôler le taux de recombinaisons, puisque celles-ci se font aléatoirement au cours des étapes successives de polymérisation.

La présente invention vise précisément à palier les inconvénients ci-dessus en offrant une méthode simple de préparation de séquences polynucléotidiques recombinées, permettant de générer des séquences polynucléotidiques susceptibles de présenter des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins et donc capables de conférer un phénotype nouveau et/ou de produire des protéines nouvelles.

Ce but est atteint grâce à un procédé de production *in vitro* de séquences polynucléotidiques recombinées à partir d'une banque de séquences polynucléotidiques, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

a) la fragmentation d'une banque initiale de séquences polynucléotidiques double-brins,

b) la dénaturation des fragments issus de l'étape (a) éventuellement en présence d'une ou plusieurs matrice(s) d'assemblage,

5 c) l'hybridation desdits fragments en présence d'une ou plusieurs matrice(s) d'assemblage si celle(s)-ci n'est (ne sont) pas présente(nt) à l'étape (b),

d) la ligation desdits fragments,

10 e) le clonage des séquences polynucléotidiques recombinaées.

Le procédé de l'invention peut comprendre en outre, une ou plusieurs des étapes suivantes :

15 - la répétition des étapes (b), (c) et (d) à la fin de l'étape (d),

- la séparation des séquences polynucléotidiques recombinaées de la ou des matrice(s) d'assemblage avant l'étape (e),

20 - l'amplification des séquences polynucléotidiques recombinaées double brin avant l'étape (e) de clonage.

25 Les extrémités des fragments générés à l'étape (a) sont telles qu'il puisse y avoir hybridation adjacente de ces extrémités sur la ou les matrice(s) d'assemblage à l'étape (c) et ligation de ces fragments les uns avec les autres à l'étape (d). Les séquences polynucléotidiques de la banque initiale doivent présenter des zones d'homologie soit entre elles, soit
30 avec les matrices d'assemblage, permettant de générer des extrémités de fragments telles que décrites ci-dessus.

35 Une forme de mise en oeuvre avantageuse du procédé de l'invention consiste à réaliser simultanément les étapes (c) et (d) selon une réaction dite de RLR

pour l'expression anglaise de "Recombining Ligation Reaction".

5 Outre les avantages indiqués précédemment, le procédé de l'invention est remarquable en ce qu'il favorise et accélère la recombinaison aléatoire *in vitro* de séquences polynucléotidiques, ces séquences polynucléotidiques pouvant être des gènes.

10 La recombinaison *in vitro* des séquences polynucléotidiques de la banque initiale par le procédé de l'invention permet donc d'obtenir une nouvelle banque contenant des séquences ayant cumulé les caractéristiques des séquences de la banque précédente. Le procédé de l'invention constitue donc une technique
15 d'évolution *in vitro*.

 Le procédé de l'invention constitue une alternative à la PCR recombinatoire telle que mise en oeuvre dans les techniques de DNA shuffling (11) ou de
20 StEP (13), puisqu'il ne nécessite pas d'étape de polymérisation *in vitro* pour aboutir à la recombinaison. Au contraire, l'étape clef du procédé de l'invention est l'étape (d) de ligation à haute température sur une matrice d'assemblage, ce qui assure un très haut degré
25 de fidélité au cours des événements de recombinaison.

 La fragmentation de ces séquences polynucléotidiques à l'étape (a) permet de contrôler avec précision le degré de recombinaison voulu et la
30 position des points de recombinaison. Ainsi, plus le nombre de fragments générés par séquence est grand, plus le nombre de fragments nécessaires pour recomposer une séquence est élevé, ce qui entraîne un taux de recombinaison élevé. En outre, la nature et la position
35 des extrémités des fragments générés dans ce mode de réalisation du procédé de l'invention sont connues et contrôlées, ce qui permet :

- de contrôler avec précision les zones où la recombinaison a lieu, ou

5 - d'induire la recombinaison entre des séquences polynucléotidiques, par exemple des gènes, si les extrémités des fragments sont créées dans des zones d'homologie entre ces séquences, ou des zones d'homologies entre ces séquences et la ou les matrices d'assemblage.

10 Le procédé de l'invention peut être appliqué à l'orientation de la ligation multi-moléculaire à bouts francs. Dans cette application, on utilise comme matrice d'assemblage aux étapes b ou c des oligonucléotides juste complémentaires de l'extrémité 3'

15 d'un fragment et 5' du fragment adjacent, ce qui permet l'hybridation adjacente de ces deux extrémités sur la même matrice après l'étape de dénaturation. Une fois hybridées, les extrémités des fragments peuvent être liguées entre-elles de façon à orienter le sens de

20 ligation des fragments à bout francs.

 La banque initiale de l'étape (a) peut être générée par toute méthode connue de l'homme du métier, par exemple à partir d'un gène sauvage par étapes de

25 mutagénèse dirigée successives, par PCR "error prone " (2), par mutagénèse aléatoire chimique, par mutagénèse aléatoire *in vivo*, ou en combinant des gènes de familles proches ou distinctes au sein de la même espèce ou d'espèces différentes de façon à disposer d'une variété

30 de séquences polynucléotidiques dans la banque initiale.

 Parmi ces techniques, l'invention envisage plus particulièrement, un procédé dans lequel la banque initiale de séquences polynucléotidiques double-brins est obtenue par une réaction de polymérisation en chaîne

35 réalisée dans des conditions qui permettent de créer des mutations aléatoires.

Selon une forme de réalisation préférée du procédé de l'invention, l'étape (a) consiste à soumettre la banque initiale à une hydrolyse par l'action d'une ou plusieurs enzymes de restriction.

5 Pour accroître le degré de recombinaison généré par le procédé de l'invention, il suffit d'augmenter le nombre de fragments de restriction en utilisant des enzymes de restriction ayant un grand nombre de sites de coupure sur les séquences
10 polynucléotidiques de la banque initiale, ou en combinant plusieurs enzymes de restriction. Dans le cas de l'utilisation d'une ligase thermostable, la limite est fixée par la taille du plus petit fragment ainsi généré, par exemple supérieure ou égale à 40 pb, afin de
15 conserver une température d'hybridation compatible avec celle de l'étape (d) de ligation qui est généralement de l'ordre de 65 °C.

L'étape (a) peut encore être réalisée en
20 générant une banque de fragments par traitement aléatoire avec la DNase I d'une banque initiale de séquences polynucléotidiques double brins partiellement hétérologues. Cette forme de mise en oeuvre du procédé de l'invention aurait la particularité de permettre
25 l'utilisation des fragments DNase I comme matrices les uns pour les autres, pour l'hybridation au cours de l'étape (c) ou de la réaction de RLR des étapes (c) et (d) simultanées.

Une mise en oeuvre similaire du procédé de
30 l'invention peut être réalisée en combinant à l'étape (b) au moins deux banques de fragments distinctes générées séparément à l'étape (a) à partir de la même banque initiale par un traitement avec des enzymes différentes. La mise en oeuvre de telles banques ne
35 nécessite pas non plus l'utilisation de matrice consensus au cours des étapes (b) ou (c), puisque les fragments peuvent s'hybrider les uns sur les autres.

Les fragments de l'étape (a) du procédé de l'invention peuvent également être générés par des réactions PCR menées sur les séquences polynucléotidiques de la banque initiale. Deux solutions
5 sont envisageables. Dans un premier cas, les oligonucléotides peuvent être conçus de manière à générer des fragments dont les extrémités sont adjacentes tout au long de la séquence d'assemblage. Dans un deuxième cas, les oligonucléotides sont conçus
10 de façon à générer des fragments ayant des séquences communes, ces fragments pouvant servir de matrice d'assemblage les uns pour les autres à l'étape (b) ou à l'étape (c).

15 La matrice d'assemblage à l'étape (b) ou (c) est par exemple une séquence polynucléotidique issue de la banque initiale ou une séquence consensus de ladite banque, simple ou double brin. Dans le cas où la matrice d'assemblage est incorporée directement à
20 l'étape (c) de l'invention, cette matrice doit être sous forme simple brin.

Selon une variante du procédé de l'invention, les matrices d'assemblage des étapes (b) ou (c) sont constituées d'oligonucléotides.

25 Selon une forme particulière de mise en oeuvre du procédé de l'invention, des oligonucléotides, simple ou double brin, de longueur variable, sont ajoutés à l'étape (c) en plus de la matrice. Ces
30 oligonucléotides sont conçus pour pouvoir se substituer à une partie des fragments à l'étape (c), en effet, leur séquence est telle que :

- s'ils sont parfaitement homologues avec la séquence du fragment qu'ils remplacent, ils favorisent
35 certaines combinaisons, ou

- s'ils sont partiellement hétérologues avec la séquence du fragment qu'ils remplacent, ils

introduisent une ou des mutations dirigées supplémentaires.

5 Avant l'étape (e) du procédé de l'invention, il est possible de séparer les séquences polynucléotidiques recombinaées de la matrice d'assemblage grâce à un marqueur présent sur la matrice d'assemblage ou sur les séquences polynucléotidiques recombinaées. Il est en effet possible de marquer chaque
10 brin de la matrice selon des techniques connues de l'homme du métier. Par exemple, le marqueur de la matrice d'assemblage peut être un haptène et l'on sépare les séquences polynucléotidiques recombinaées de la matrice d'assemblage par des techniques connues de
15 l'homme du métier, comme par exemple un anticorps anti-haptène fixé sur un support ou une réaction biotine-streptavidine, si l'haptène est un marqueur biotine.

D'autres techniques peuvent être employées pour séparer les séquences polynucléotidiques recombinaées de la matrice d'assemblage. La matrice
20 d'assemblage peut aussi être préparée spécifiquement de façon à faciliter son élimination à la fin du procédé de l'invention. Elle peut ainsi être synthétisée par amplification PCR utilisant des dATP méthylés, ce qui
25 permet sa dégradation par l'endonucléase de restriction Dpn I. Dans ce cas, les séquences polynucléotidiques recombinaées ne doivent pas contenir de dATP méthylés. La matrice peut aussi avoir été préparée par amplification PCR en utilisant des dUTP, ce qui permet sa dégradation
30 par traitement avec une uracyl-DNA-glycosylase. A l'inverse, il est possible de protéger les séquences polynucléotidiques recombinaées en les amplifiant par PCR sélective avec des oligonucléotides portant des groupements phosphorothioates en 5'. Un traitement avec
35 une exonucléase permet alors de dégrader spécifiquement la matrice d'assemblage.

Comme indiqué précédemment, le procédé de l'invention peut comprendre avant l'étape (e) de clonage, une étape d'amplification des séquences polynucléotidiques recombinaées. Toute technique d'amplification est acceptable notamment une amplification par PCR. Une des plus simple consiste à réaliser une PCR qui permet d'amplifier spécifiquement les séquences polynucléotidiques recombinaées grâce à des amorces qui ne peuvent s'hybrider que sur les extrémités des séquences recombinaées. Les produits PCR sont ensuite clonés pour être caractérisés.

L'invention concerne également un procédé pour générer des séquences polynucléotidiques de susceptibles des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins. Ce procédé consiste à produire des séquences polynucléotides recombinaées selon le procédé décrit précédemment, puis à cribler par tout moyen approprié les clones obtenus pour sélectionner ceux comprenant les séquences polynucléotidiques recombinaées présentant des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins. On entend, par exemple, par propriétés avantageuses la thermostabilité d'une enzyme ou sa qualité à pouvoir fonctionner dans des conditions de pH ou de température ou de concentration saline plus adaptées à un procédé enzymatique, que les protéines témoins habituellement utilisées pour ledit procédé. A titre d'exemple d'un tel procédé, on peut citer un procédé industriel de désencollage des fibres textiles ou de blanchiment des pâtes à papier ou de la production d'arômes dans l'industrie laitière

Selon un mode de réalisation avantageux de cette application du procédé de l'invention, la banque initiale peut donc être le résultat d'un crible ayant permis de sélectionner par tout moyen approprié les séquences polynucléotidiques présentant des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins. Les

séquences ainsi sélectionnées constituent une banque initiale restreinte.

5 Mais, il est aussi possible de partir d'une banque initiale non restreinte afin de conserver la représentativité des propriétés contenues dans cette banque.

10 Les séquences codant pour les protéines présentant des propriétés avantageuses par rapport aux protéines témoin sont alors sélectionnées, par des criblages *in vivo* ou *in vitro*, et peuvent servir à constituer une nouvelle banque pour une éventuelle réitération du procédé de l'invention.

15 Parmi les techniques de criblage qui peuvent être appliquées à chacun des clones de l'étape (e), les techniques de criblage *in vitro* présentent l'avantage de s'affranchir des problèmes de physiologie cellulaire, et de tous les inconvénients liés au clonage d'expression *in vivo*. En outre, ce type de criblage est facilement automatisable, ce qui permet de cribler un nombre élevé
20 de séquences polynucléotidiques recombinées.

L'invention concerne aussi une séquence polynucléotidique recombinée obtenue par un procédé selon l'invention, ainsi qu'un vecteur contenant une
25 telle séquence polynucléotidique recombinée, un hôte cellulaire transformé par une séquence polynucléotidique recombinée ou un vecteur de l'invention, ainsi qu'une protéine codée par cette séquence polynucléotidique recombinée. L'invention comprend également les banques
30 correspondantes de séquences polynucléotidiques recombinées, de vecteurs, d'hôtes cellulaires ou de protéines.

35 D'autres avantages et caractéristiques de l'invention apparaîtront des exemples de réalisation de l'invention qui suivent et qui se réfèrent aux dessins en annexe dans lesquels :

La figure 1 est une représentation schématique des procédés de l'art antérieur correspondant respectivement au DNA-shuffling (figure 1A) et au StEP (figure 1B).

5 La figure 2 est une représentation schématique d'un exemple de réalisation du procédé de l'invention et de certaines de ses variantes et application.

10 La figure 3 représente les positions des dix zones de mutations (*Pvu* II et *Pst* I) portées par chaque mutant du gène *ponB* utilisé pour les exemples de mises en oeuvre de l'invention.

15 La figure 4 représente la position des amorces utilisées par rapport à la séquence du gène *ponB*.

La figure 5 représente la migration des produits des réactions de RLR et de PCR des produits de ces réactions de RLR sur gel d'agarose.

20 La figure 6 représente la position des mutations par rapport aux fragments de restriction.

I - PRINCIPE.

25 Le procédé de l'invention a été mis en oeuvre à partir d'une banque de mutants du gène *ponB*, codant pour la PBPlb d'*E. coli* (1). Dix mutants de ce gène ont été utilisés. La séquence du gène de chaque mutant diffère de celle du gène sauvage par une zone non homologue de treize à seize bases de long constituée
30 par la substitution de cinq codons initiaux par cinq codons alanines selon la technique décrite par Lefèvre et al. (8).

35 La substitution portée par chaque mutant est caractérisée par la présence d'un site unique de l'enzyme de restriction *Pvu* II encadré par deux sites de l'enzyme *Pst* I, qui permettent de distinguer les mutants les uns des autres par leur profil de digestion avec ces

endonucléases de restriction. La figure 3 représente les positions des dix zones de mutations (*Pvu* II et *Pst* I) portées par chaque mutant.

5 Après amplification par PCR des gènes des dix mutants, les produits PCR ont été purifiés, mélangés en quantité équimolaire pour constituer la banque initiale. Les séquences polynucléotidiques de cette
10 banque ont été digérées par les enzymes de restriction *Hinf* I et *Bsa* I, de façon à générer des banques de fragments de restriction. Les fragments de restriction ont alors été incubés avec la matrice sauvage, à différentes quantités, en présence d'une ligase thermostable. Après plusieurs cycles de
15 dénaturation/hybridation/ligation, une fraction de ce mélange réactionnel a été utilisée pour réaliser une amplification PCR avec un couple d'amorces spécifiques des extrémités 5' et 3' des gènes des mutants et non
20 spécifiques des extrémités 5' et 3' de la matrice sauvage. Le produit d'amplification a été cloné, et les clones obtenus ont été analysés pour leur profil de digestion avec l'endonucléase de restriction *Pvu* II ou *Pst* I. Les profils obtenus ont permis de déterminer
25 quel(s) fragment(s) des mutants avai(en)t pu se recombiner avec les autres pour reconstituer un gène entier.

II - MATERIEL.

30 1) Souches et plasmides.

La souche MC1061 (F^- *araD*139, Δ (*ara-leu*)7696, *galE*15, *galK*16, Δ (*lac*)X74, *rpsL* (*Str*^R), *mcrA* *mcrB*1, *hsdR*2 ($r_k^- m_k^+$)) est dérivée d'*Escherichia coli* K12.

35 Le vecteur PARAPONB est issu du vecteur PARA13 (3) dans lequel le gène *ponB* portant un site de coupure thrombine (9) a été introduit entre les sites de

restriction *Nco* I et *Nar* I. Le vecteur pET26b+ fait partie de la famille des vecteurs pET développée par Studier et Moffatt (12) et commercialisés par la société NOVAGEN.

5

2) Oligonucléotides.

Les oligonucléotides ont été synthétisés par la société ISOPRIM (Toulouse). Les séquences des oligonucléotides sont rapportées dans le tableau I ci-dessous.

10

Tableau I

Oligo N	5' ACTGACTACCATGGCCGGGAATGACCGCGAGCC 3'
Oligo E	5' CCGCGGTGGAGCGAATTCTAATTACTACCAAACATATCC 3'
Oligo M1	5' GCGCCTGAATATTGCGGAGAAAAAGC 3'
Oligo M2	5' ACAACCAGATGAAAAGAAAGGGTTAATATC 3'
Oligo A1	5' ACTGACTACCATGGCC 3'
Oligo A2	5' CCGCGGTGGAGCGAATTC 3'

3) Réactifs.

15

Les enzymes de restriction et de modifications citées dans le tableau II ci-dessous ont été utilisées selon les recommandations des fournisseurs.

Tableau II

20

Enzyme	Concentration	Fournisseur
<i>Nco</i> I	10 U/ μ l	NEB
<i>Pst</i> I	20 U/ μ l	NEB
<i>Eco</i> RI	20 U/ μ l	NEB
<i>Bsa</i> I	5 U/ μ l	New England Biolabs
<i>Hinf</i> I	10 U/ μ l	New England Biolabs
<i>Pvu</i> II	10 U/ μ l	New England Biolabs
T4 DNA ligase	400 U/ μ l	New England Biolabs
Taq ADN polymérase	5 U/ μ l	PROMEGA
AMPLIGASE	100 U/ μ l	EPICENTRE

Les tampons utilisés sont rapportés dans le tableau III ci-dessous.

Tableau III

Tampons	Composition
T	Tris HCl 10 mM, pH 8.0
Polymérisation 20X	Tris HCl 100 mM pH 8,3, MgCl ₂ 15 mM, KCl 500 mM, 1.0% Triton X100®
Restriction A 10X	500 mM NaCl, 100 mM Tris HCl pH 7,9, 100 mM MgCl ₂ , 10 mM DTT
Restriction B 10X	1 M NaCl, 500 mM Tris HCl pH 7,9, 100 mM MgCl ₂ , 10 mM DTT
Restriction C 10X	500 mM NaCl, 1 M Tris HCl pH 7,5, 100 mM MgCl ₂ , 0,25% Triton X100®
AMPLIGASE 10X	200 mM Tris HCl pH 8,3, 250 mM KCl, 100 mM MgCl ₂ , 5 mM NAD, 0,1% Triton X100®
Ligation 10X	500 mM Tris HCl pH 7,5, 100 mM MgCl ₂ , 100 mM DTT, 10 mM ATP, 250 µg/ml BSA

5

III - PREPARATION DE LA MATRICE.

Le gène *ponB* sauvage a été amplifié par une étape de réaction de PCR en utilisant comme amorces les oligonucléotides M1 et M2 (fig. 4). Cinq réactions de PCR ont été préparées en ajoutant 50 ng du plasmide pPONBPBR portant le gène sauvage (7) à un mélange contenant 10 µl de tampon de polymérisation, 10 µl de dNTPs 2mM, 20 pmol de chaque oligonucléotide M1 et M2, et 5U de Taq ADN polymérase, dans un volume final de 100 µl. Ces mélanges ont été incubés dans un thermocycleur Perkin-Elmer 9600 selon le programme suivant : (94°C - 2 min.) - (94°C 15 sec. - 60°C 30 sec. - 72°C 1 min.) x 29 cycles - (72°C - 3 min.).

20

Le produit des cinq PCR ont été mélangés et déposés sur un gel d'agarose TBE 1%. Après migration et coloration au bromure d'éthidium du gel, la bande à 2651 pb, correspondant au produit d'amplification du

gène *ponB* encadré par deux fragments de 26 pb et 90 pb respectivement, a été visualisée par trans-illumination aux ultraviolets, et découpée à l'aide d'un scalpel pour être purifiée avec le système Quiaquick (QIAGEN). La
5 totalité de l'ADN ainsi purifié a été éluée dans 120 µl de tampon T. La concentration de cet ADN a été évaluée par un dosage spectrophotométrique à 260 nm, à 100 ng/µl.

10 IV - PREPARATION DE LA BANQUE.

1) Amplification des gènes mutants.

Les gènes des dix mutants ont été amplifiés séparément par l'intermédiaire d'une réaction de PCR en
15 utilisant les oligonucléotides N et E. Ces oligonucléotides introduisent respectivement les sites de restriction *Nco* I et *Eco* RI, permettant de cloner les produits obtenus avec ces deux sites.

Chaque réaction de PCR a été préparée en ajoutant 50 ng du plasmide portant le gène mutant à un
20 mélange contenant 10 µl de tampon de polymérisation, 10 µl de dNTPs 2mM, 20 pmol de chaque oligonucléotide N et E, et 5U de *Taq* ADN polymérase, dans un volume final de 100 µl. Ce mélange a été incubé dans un thermocycleur
25 Perkin-Elmer 9600 selon le programme suivant : (94°C - 2 min.) - (94°C 15 sec. - 60°C 30 sec. - 72°C 1 min.) x 29 cycles - (72°C - 3 min.).

La spécificité de l'amplification génique a été vérifiée par profil de restriction avec
30 l'endonucléase *Pvu* II, en incubant 5 µl de chaque produit PCR 1 heure à 37°C dans un mélange contenant 3 µl de tampon de restriction A et 5U de l'enzyme *Pvu* II dans un volume final de 30 µl. 15 µl de cette réaction de digestion ont été déposés sur un gel d'agarose TBE
35 1%. Après migration et coloration au bromure d'éthidium, le gel a été exposé aux ultraviolets. La visualisation des fragments de restriction a permis de confirmer la

spécificité de l'amplification génique de chaque gène mutant.

En parallèle, 3 µl de chaque réaction PCR ont été déposés sur un gel d'agarose TBE 1%. Après migration, le gel a été traité comme ci-dessus. L'intensité de chaque bande a permis d'estimer que les amplifications géniques avaient eu le même rendement.

2) Création des banques de fragments de restriction.

50 µl de chacune des dix PCR ont été mélangés et déposés sur un gel d'agarose TBE 1%. Après migration et coloration au bromure d'éthidium, la bande à 2572 pb, correspondant au produit d'amplification des gènes des dix mutants, a été découpée à l'aide d'un scalpel et purifiée avec le système Quiaquick (QIAGEN). La totalité de l'ADN ainsi purifié a été éluée dans 120 µl de tampon T. La concentration de cet ADN a été évaluée par un dosage spectrophotométrique à 260 nm, à 100 ng/µl.

Pour générer les banques de fragments de restriction, 100 µl de cet ADN ont été incubés une heure à 50°C dans un mélange contenant 12 µl de tampon de restriction B, 1,2 µl de BSA (à 10 mg/ml), 25 U de l'enzyme *Bsa* I et 4 µl d'eau. Puis 2 µl du tampon de restriction B, 2 µl de BSA (à 1mg/ml), 50 U de l'enzyme *Hinf* I et 11,5 µl d'eau ont été rajoutés au mélange, qui a été incubé une heure à 37°C. La totalité du mélange de digestion a été purifié sur une colonne QIAquick (QIAGEN), et élué avec 30 µl de tampon T. 1 µl de cet éluat a été déposé sur gel d'agarose TBE 1% pour vérifier que la digestion avait été totale, et qu'elle avait généré 6 fragments de restriction, et par conséquent six banques de fragments, de 590 pb, 500 pb, 472 pb, 438 pb, 298 pb et 274 pb. La concentration de cet ADN a été évaluée (par un dosage spectrophotométrique à 260 nm) à 250 ng/µl.

V - RLR (Recombining Ligation Reaction).

La réaction de RLR (Recombining Ligation Reaction) a été réalisée en incubant des quantités déterminées de fragments de restriction *Hinf* I - *Bsa* I des gènes des dix mutants avec la matrice complète (ie le gène *ponB* sauvage), en présence d'une ADN ligase thermostable. Le tableau IV ci-dessous rapporte la composition des mélanges de RLR.

Tableau IV

	RLR 1	RLR 2	RLR3	RLR4	T-
Fragments <i>Hinf</i> I - <i>Bsa</i> I des dix mutants (100 ng/ μ l)	0,5 μ l	1 μ l	2 μ l	5 μ l	5 μ l
Matrice <i>ponB</i> sauvage (100 ng/ μ l)	0,6 μ l	1,2 μ l	2,4 μ l	6 μ l	6 μ l
Tampon AMPLIGASE 10X	2 μ l	2 μ l	2 μ l	2 μ l	2 μ l
AMPLIGASE (25 U/ μ l)	1 μ l	1 μ l	1 μ l	1 μ l	-
H ₂ O	qsp 20 μ l	qsp 20 μ l	qsp 20 μ l	qsp 20 μ l	qsp 20 μ l

Le témoin négatif est identique à la réaction de RLR4, mais ne contient pas d'ADN ligase thermostable. Ces différents mélanges ont été recouverts d'une goutte d'huile minérale et incubés dans un thermocycleur Perkin-Elmer 9600 dans des microtubes de 200 μ l selon le programme suivant : (94°C 5 min.) - (94°C 1 min. - 65°C 4 min.) x 35 cycles.

10 μ l de chaque réaction de RLR ont alors été ajoutés à un mélange de réaction PCR contenant 10 μ l de tampon de polymérisation, 10 μ l de dNTPs 2 mM, 40 pmol de chaque oligonucléotide A1 et A2, et 5 U de Taq ADN polymérase dans un volume final de 100 μ l. Ce mélange a été incubé dans un thermocycleur Perkin-Elmer 9600 selon le programme suivant : (94°C 5 min.) - (94°C

30 sec. - 46°C 30 sec. - 72°C 1 min.) x 29 cycles -
(72°C 2 min.). Cette réaction de PCR a permis
d'amplifier spécifiquement les produits de ligation
formés au cours de la réaction de RLR, sans amplifier la
matrice, puisque les oligonucléotides A1 et A2 ne
peuvent pas s'hybrider sur celle-ci, comme montré sur la
figure 4.

5 µl de chaque réaction de RLR et 10 µl de
chacune des réactions de PCR précédentes ont été déposés
sur un gel d'agarose TBE 1%. Après coloration au bromure
d'éthidium, le gel a été exposé aux ultraviolets, comme
montré à la figure 5.

L'analyse de ce gel révèle que seule la
réaction de RLR4 contient, comme le témoin négatif, des
fragments de restrictions encore visibles (pistes 4 et
5).

L'absence de produit PCR pour le témoin
négatif (piste 10) révèle non seulement que la réaction
PCR est spécifique (pas d'amplification de la matrice
complète), mais aussi que les fragments de restriction
présents dans le mélange ne peuvent pas se substituer
aux amorces pour générer un produit PCR contaminant
dans les conditions choisies. En parallèle, la présence
d'une bande unique à environ 2500 pb sur les pistes 6, 7
et 8 démontre qu'un produit de RLR a pu être amplifié
par PCR pour les réactions de RLR1, 2 et 3. Ces trois
réactions de RLR ont donc permis de reconstituer un ou
des gènes complets à partir de six banques de fragments
de restrictions.

VI - ANALYSE DES PRODUITS D'AMPLIFICATION DES REACTIONS DE RLR.

1) Clonage.

Les produits d'amplification PCR des
réactions de RLR 1, 2 et 3 ont été purifiés avec le
système Wizard PCR Preps (PROMEGA) et élués dans 45 µl

de tampon T. 6 µl de chaque PCR purifiée ont été incubés 1 heure à 37°C dans un mélange contenant 3 µl de tampon de restriction C, 3 µl de BSA (à 1mg/ml), 20 U de l'enzyme *Eco* RI, 10 U de l'enzyme *Nco* I et 15 µl d'eau.

5 En parallèle, deux vecteurs (pARAPONB et pET26b+) ont été préparés pour le clonage. Ces vecteurs ont été linéarisés en incubant 3 µg de ces plasmides 2 heures à 37°C, dans un mélange contenant 3 µl de tampon de restriction C, 3 µl de BSA (à 1mg/ml), 20 U de l'enzyme *Eco* RI, 10 U de l'enzyme *Nco* I et 19 µl d'eau.

10 Les vecteurs linéarisés ainsi que les PCR digérées ont été purifiés sur gel d'agarose TBE 1% avec le système QIAquick (QUIAGEN). Chaque vecteur ou chaque PCR digérée a été éluée dans 30 µl de tampon T.

15 La ligation de chaque PCR digérée avec l'un ou l'autre des vecteurs a été réalisée selon les conditions décrites dans le tableau V ci-dessous, et incubée à 16°C pendant 16 heures.

Tableau V

	Ligation avec le vecteur pARAPONB				Ligation avec le vecteur pET26b+			
	LpAR1	LpAR2	LpAR3	TLpAR	LpET1	LpET2	LpET3	TLpET
PCR amplification RLR 1 digérée <i>Nco</i> I - <i>Eco</i> RI	4 µl	-	-	-	4 µl	-	-	-
PCR amplification RLR 2 digérée <i>Nco</i> I - <i>Eco</i> RI	-	4 µl	-	-	-	4 µl	-	-
PCR amplification RLR 3 digérée <i>Nco</i> I - <i>Eco</i> RI	-	-	4 µl	-	-	-	4 µl	-
Vecteur pARAPONB digérée <i>Nco</i> I - <i>Eco</i> RI	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	-	-	-	-
Vecteur pET26b+ digérée <i>Nco</i> I - <i>Eco</i> RI	-	-	-	-	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl
Tampon de ligation	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl
Ligase	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl
H ₂ O	12 µl	12 µl	12 µl	16 µl	12 µl	12 µl	12 µl	16 µl

200 µl de cellules MC1061 chimiocompétentes (4) ont été transformées avec 10 µl de chaque ligation par un choc thermique (5), et les cellules ainsi transformées ont été étalées sur un milieu de sélection.

Aucun clone n'a été obtenu après transformation des témoins de ligation TL pAR et TL pET, indiquant ainsi que les vecteurs pARAPONB et pET26b+ linéarisés Nco I - Eco RI ne peuvent pas subir une ligation intramoléculaire.

2) Criblage par PCR.

Un premier criblage des clones obtenus après transformation des ligations avec le vecteur pARAPONB a été réalisée par PCR. 42 colonies, 14 de chaque ligation LpAR1, LpAR2 et LpAR3, ont été resuspendues individuellement dans un mélange de PCR contenant 5 µl de tampon de polymérisation, 40 pmol de chaque oligonucléotide A1 et A2, 5 µl de dNTPs 2mM et 5U de Taq ADN polymérase dans un volume final de 50 µl. Un témoin négatif a été constitué en ajoutant au mélange de PCR 50 ng du plasmide pBR322 à la place d'une colonie. Ces 43 tubes ont été incubés dans un thermocycleur Perkin-Elmer 9600 selon le programme suivant : (94°C 5 min.) - (94°C 30 sec. - 46°C 30 sec. - 72°C 1 min.) x 29 cycles - (72°C 2 min.). 5 µl de chacune de ces réactions PCR ont ensuite été incubés 1 heure à 37°C dans un mélange contenant 2 µl de tampon de restriction A, 2 µl de BSA (à 1 mg/ml) et 5 U de l'enzyme de restriction Pvu II dans un volume final de 20 µl.

10 µl de chacune de ces digestions ont été déposées sur un gel d'agarose TBE 1% en parallèle de 5 µl de chaque PCR non digérée (ce qui permet de ne pas confondre d'éventuelles bandes non spécifiques de la PCR avec un fragment obtenu par digestion de restriction). Après migration et coloration au bromure d'éthidium de ce gel, les bandes issues de la digestion par l'enzyme Pvu II ont été analysées afin de déterminer quel(s)

fragment(s) des mutants initiaux s'étaient associé(s) avec les autres pour reconstituer un gène entier. Ce criblage révèle la présence de 27 gènes portant une mutation, 7 gènes portant deux mutations et de 8 gènes ne portant plus de mutation.

3) Criblage par minipréparation d'ADN plasmidique.

Le deuxième criblage a été effectué en réalisant une extraction de l'ADN plasmidique (5) de 21 clones issus de la transformation des ligations avec le vecteur pET26b+ (7 clones de chaque ligation). 5 µl de l'ADN plasmidique ainsi obtenu pour chaque clone a été incubé 1 heure à 37°C en présence d'un mélange contenant 1 µl de tampon de restriction C, 6 U de l'enzyme *Pst* I, 3 U de l'enzyme *Nco* I et 6 U de l'enzyme *Eco* RI dans un volume final de 10 µl. 5 µl de chacune de ces digestions ont été déposées sur un gel d'agarose TBE 1%. Après migration et coloration au bromure d'éthidium de ce gel, les bandes issues de la digestion par l'enzyme *Pst* I ont été analysées afin de déterminer quel(s) fragment(s) des mutants initiaux s'étaient associé(s) avec les autres pour reconstituer un gène entier. Ce criblage révèle la présence de 13 gènes portant une mutation, 5 gènes portant deux mutations et de 3 gènes ne portant plus de mutation.

4) Analyse statistique des recombinaisons.

En fonction de la position de chaque mutation par rapport aux sites de coupure des enzymes *Hinf* I et *Bsa* I, comme représenté à la figure 6, il est possible de calculer la probabilité d'obtenir au cours de la réaction de RLR la création d'un gène portant 0, 1, 2, 3 ou 4 des mutations des gènes initiaux.

Ainsi, en considérant que la réaction de RLR est totalement aléatoire les probabilités P sont les suivantes :

$$P(0 \text{ mutation}) = \prod_{i=6}^9 \left(\frac{i}{10} \right) = 30,24\%$$

$$P(1 \text{ mutation}) = \sum_{n=1}^4 \left[\frac{n}{10-n} \prod_{i=1}^4 \left(\frac{10-i}{10} \right) \right] = 44,04\%$$

$$P(2 \text{ mutations}) = \sum_{n=1}^4 \left[\sum_{a=1}^{4-n} \left(\frac{10-a}{a} \right) \left(\frac{10-(a+n)}{a+n} \right) \prod_{i=1}^4 \left(\frac{i}{10} \right) \right] = 21,44\%$$

$$P(3 \text{ mutations}) = \sum_{n=1}^4 \left[\left(\frac{10-n}{n} \right) \prod_{i=1}^4 \left(\frac{i}{10} \right) \right] = 4,04\%$$

$$P(4 \text{ mutations}) = \prod_{i=1}^4 \left(\frac{i}{10} \right) = 0,24\%$$

Les deux criblages effectués donnent des résultats proches de ces prévisions statistiques, comme rapporté dans le tableau VI ci-dessous, indiquant ainsi que la réaction de RLR est quasi aléatoire. Une proportion légèrement plus élevée de gènes portant une mutation, au détriment des gènes portant zéro mutation est observée. Ce phénomène pourrait être attribué à une faible toxicité du gène *ponB* déjà observée et à la légère fuite des vecteurs d'expression *PARAPONB* et *pET26b+*, qui favoriseraient la sélection de gènes portant une mutation inactivante.

Tableau VI

%	0 mutation	1 mutation	2 mutations	3 mutations	4 mutations
Statistique	30,24	44,04	21,44	4,04	0,24
Criblage PCR	21	63	16	0	0
Criblage mini-préparation	14	62	24	0	0

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- 1) Broome-Smith J.K., Edelman A., Yousif S. et Spratt B.G., (1985), The nucleotide sequence of the *ponA* and *ponB* genes encoding penicillin-binding proteins 1A and 1B of *Escherichia coli* K12, Eur. J. Biochem., 147, 437-446.
- 2) Cadwell R.C. et Joyce G., 1992, Randomization of genes by PCR mutagenesis, PCR Methods and Application, 2, 28-33.
- 3) Cagnon C., Valaverde V. et Masson J.-M., (1991), A new family of sugar inducible expression vectors for *Escherichia coli*, Prot. Eng., 4, 843-847.
- 4) Hanahan D., (1985), Techniques for transformation of *Escherichia coli*, dans DNA cloning : a practical approach, Glover D.M. (Ed), IRL Press, Oxford vol I, 109-135.
- 5) Maniatis T., Fritsch E.F. et Sambrook J., (1982), Molecular cloning. A laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.
- 6) Landt et al., Gene, 96, 125-128, 1990
- 7) Lefèvre F., Analyse topologique de la Penicillin Binding Protein 1b d'*Escherichia coli*, 1997, Thèse.
- 8) Lefèvre F., Rémy M.H. et Masson J.M., 1997 (a), Alanine-stretch scanning mutagenesis : a simple and efficient method to probe protein structure and function, Nuc. Acids Res., 25, 447-448.

- 5 9) Lefèvre F., Rémy M.H. et Masson J.M.,
1997 (b), Topographical and functional investigation of
Escherichia coli Penicillin-Binding Protein 1b by
alanine stretch scanning mutagenesis, J. Bacteriol.,
179, 4761-4767.
- 10(Picard et al., Nuc. Acids Res., 22, 2587-
2591, 1994.
- 10 11) Stemmer W.P.C., (1994), Rapid evolution
of a protein in vitro by DNA shuffling, Nature, 370,
141-144.
- 15 12) Studier F.W. et Moffatt B.A., 1986, Use
of bacteriophage T7 RNA polymerase to direct selective
high-level expression of cloned genes, J. Mol. Biol.,
189, 113-130.
- 20 13) Zhao H., Giver L., Shao Z., Affholter
J.A. et Arnold F., 1998, Molecular evolution by
staggered extension process (StEP) in vitro
recombination, Nature Biotech., 16, 258-261.

REVENDEICATIONS

- 5 1) Procédé de production *in vitro* de séquences polynucléotidiques recombinaées à partir d'une banque de séquences polynucléotidiques, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :
- a) la fragmentation d'une banque initiale de séquences polynucléotidiques double-brins,
- 10 b) la dénaturation des fragments issus de l'étape (a) éventuellement en présence d'une ou plusieurs matrice(s) d'assemblage,
- c) l'hybridation desdits fragments en présence d'une ou plusieurs matrice(s) d'assemblage si celle(s)-ci n'est (ne sont) pas présente(nt) à l'étape
- 15 (b),
- d) la ligation desdits fragments,
- e) le clonage des séquences polynucléotidiques recombinaées.
- 20 2) Procédé selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il comprend la répétition des étapes (b), (c) et (d) à la fin de l'étape (d).
- 25 3) Procédé selon l'une des revendications 1 ou 2, caractérisé en ce qu'il comprend la séparation des séquences polynucléotidiques recombinaées de la ou des matrice(s) d'assemblage avant l'étape (e).
- 30 4) Procédé selon l'une des revendications 1 à 3, caractérisé en ce qu'il comprend l'amplification des séquences polynucléotidiques recombinaées double brin avant l'étape (e) de clonage.
- 35 5) Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 4 caractérisé en ce que les extrémités des fragments générés à l'étape (a) sont telles qu'il puisse y avoir hybridation adjacente de ces

extrémités sur la ou les matrice(s) d'assemblage à l'étape (c) et ligation de ces fragments les uns avec les autres à l'étape (d).

5 6) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que les séquences polynucléotidiques de la banque initiale présentent des zones d'homologie soit entre elles, soit avec les matrices d'assemblage, permettant de générer
10 des extrémités de fragments qui permettent l'hybridation adjacente de ces extrémités sur la ou les matrice(s) d'assemblage à l'étape (c) et ligation de ces fragments les uns avec les autres à l'étape (d).

15 7) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que les étapes (c) et (d) sont réalisées simultanément.

20 8) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes caractérisé en ce que l'on contrôle le degré de recombinaison et la position des points de recombinaison par la fragmentation de l'étape (a).

25 9) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes caractérisé en ce que la banque initiale de l'étape (a) est générée à partir d'un gène sauvage par étapes de mutagénèse dirigée
30 successives, par mutagénèse aléatoire, ou en combinant des gènes de familles proches ou distinctes au sein de la même espèce ou d'espèces différentes de façon à disposer d'une variété de séquences polynucléotidiques dans la banque initiale.

35 10) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape (a) consiste à soumettre la banque initiale à

une hydrolyse par l'action d'une ou plusieurs enzymes de restriction.

5 11) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape (a) consiste à soumettre la banque initiale à une hydrolyse par action d'enzymes de restriction ayant un grand nombre de sites de coupure sur les séquences polynucléotidiques de la banque initiale ou en combinant
10 plusieurs enzymes de restriction.

12) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que à l'étape (a), on prépare des fragments dont la taille est
15 supérieure ou égale à 40 pb.

13) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape (a) consiste à générer une banque de fragments par traitement aléatoire avec la Dnase I de la banque
20 initiale de séquences polynucléotidiques double brin.

14) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que
25 l'étape (b) est réalisée en combinant au moins deux banques de fragments distinctes générées séparément à l'étape (a) à partir de la même banque initiale par un traitement avec des enzymes différentes.

30 15) Procédé selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce que les fragments générés à l'étape (a) sont générés par PCR à partir de séquence(s) polynucléotidique(s) de la banque initiale.

35 16) Procédé selon l'une des revendications 13 à 15, caractérisé en ce que les fragments obtenus à

l'étape (a) servent de matrice d'assemblage les uns pour les autres à l'étape (b) ou à l'étape (c).

5 17) Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, caractérisé en ce que la matrice d'assemblage des étapes (b) ou (c) du procédé est une séquence polynucléotidique issue de la banque initiale ou une séquence consensus de ladite banque simple ou double brin.

10 18) Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, caractérisé en ce que les matrices d'assemblage des étapes (b) ou (c) du procédé sont constituées d'oligonucléotides.

15 19) Procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 18, caractérisé en ce que l'étape (c) est réalisée en présence d'oligonucléotides simple ou double brin de longueur variable.

20 20) Procédé de production *in vitro* de séquences polynucléotidiques recombinaées présentant des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins, caractérisé en ce que l'on réalise un procédé
25 selon l'une quelconque des revendications 1 à 19, puis en ce que l'on crible par tout moyen approprié les clones obtenus pour sélectionner ceux comprenant des séquences polynucéotidiques présentant des propriétés avantageuses par rapport à des séquences témoins.

30 21) Procédé selon la revendication 20, caractérisé en ce que le criblage des clones est réalisé *in vitro*.

35 22) Une séquence polynucléotidique recombinaée obtenue par le procédé de l'invention selon l'une quelconque des revendications 1 à 21.

23) Un vecteur contenant une séquence polynucléotidique recombinée selon la revendication 22.

5 24) Un hôte cellulaire transformé par une séquence polynucléotidique recombinée selon la revendication 22 ou par un vecteur selon la revendication 23.

10 25) Une protéine codée par une séquence polynucléotidique recombinée selon la revendication 22.

15 26) Une banque constituée de séquences polynucléotidiques recombinées selon la revendication 22, ou de vecteurs selon la revendication 23, ou d'hôtes cellulaires transformés selon la revendication 24, ou de protéines selon la revendication 25.

Figure 1 A

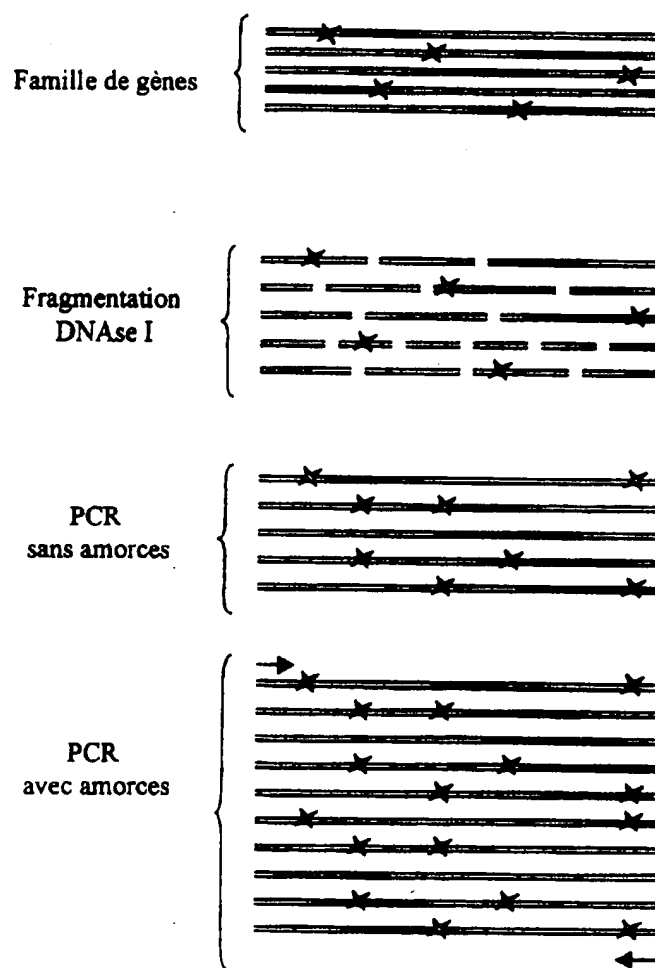
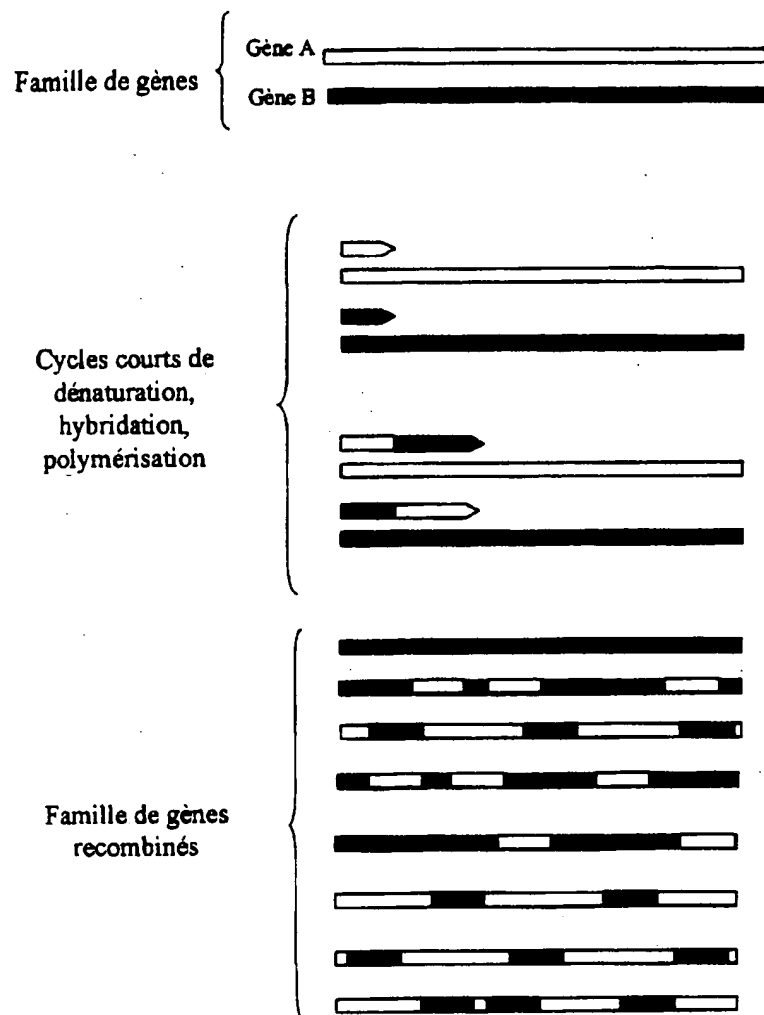


Figure 1 B

(Procédé réalisé en double brin, mais illustré ici sur un seul brin)



3/9

Fig.2

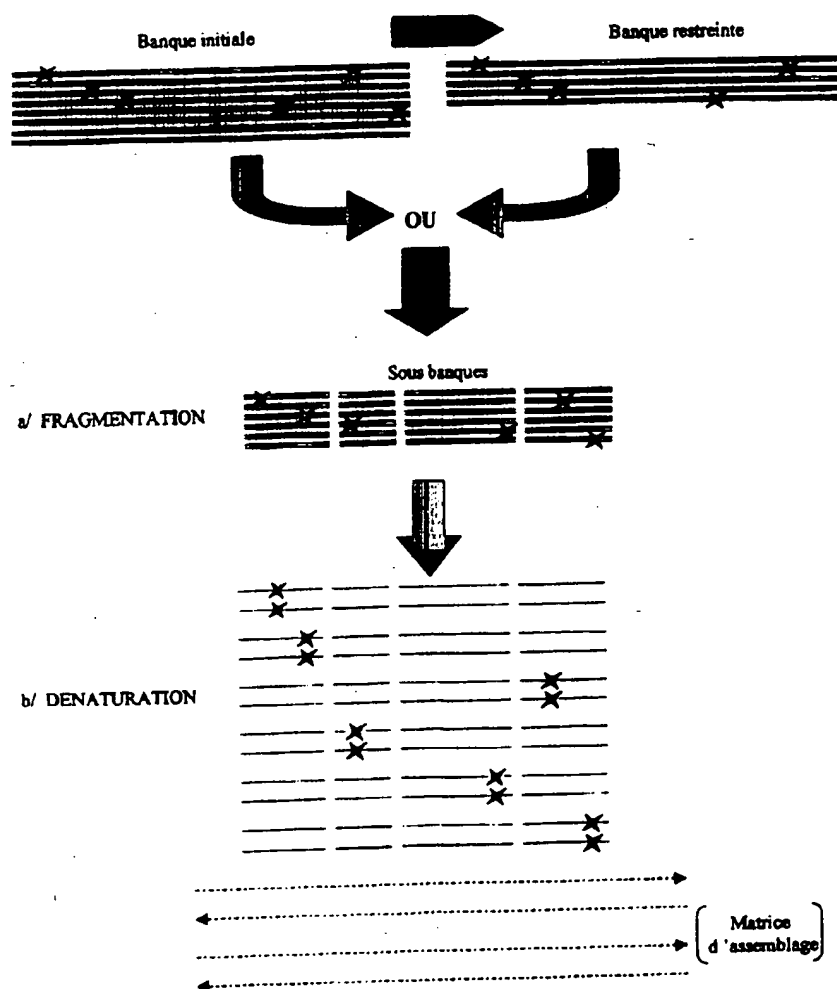


Fig.2 Suite 1

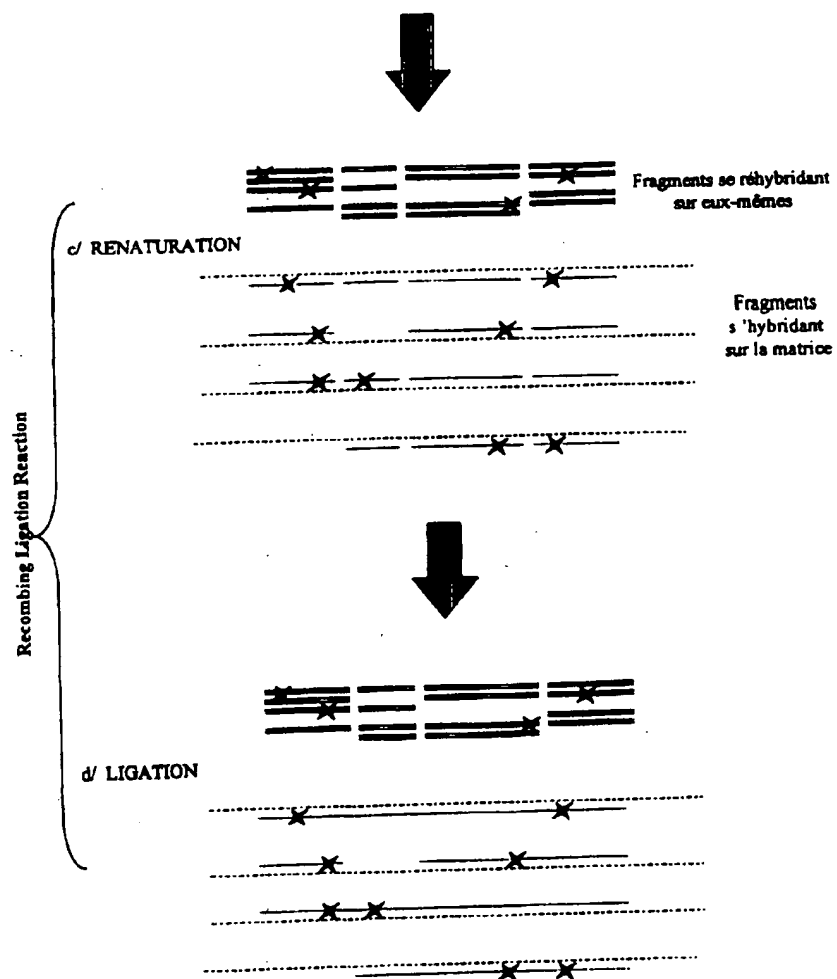
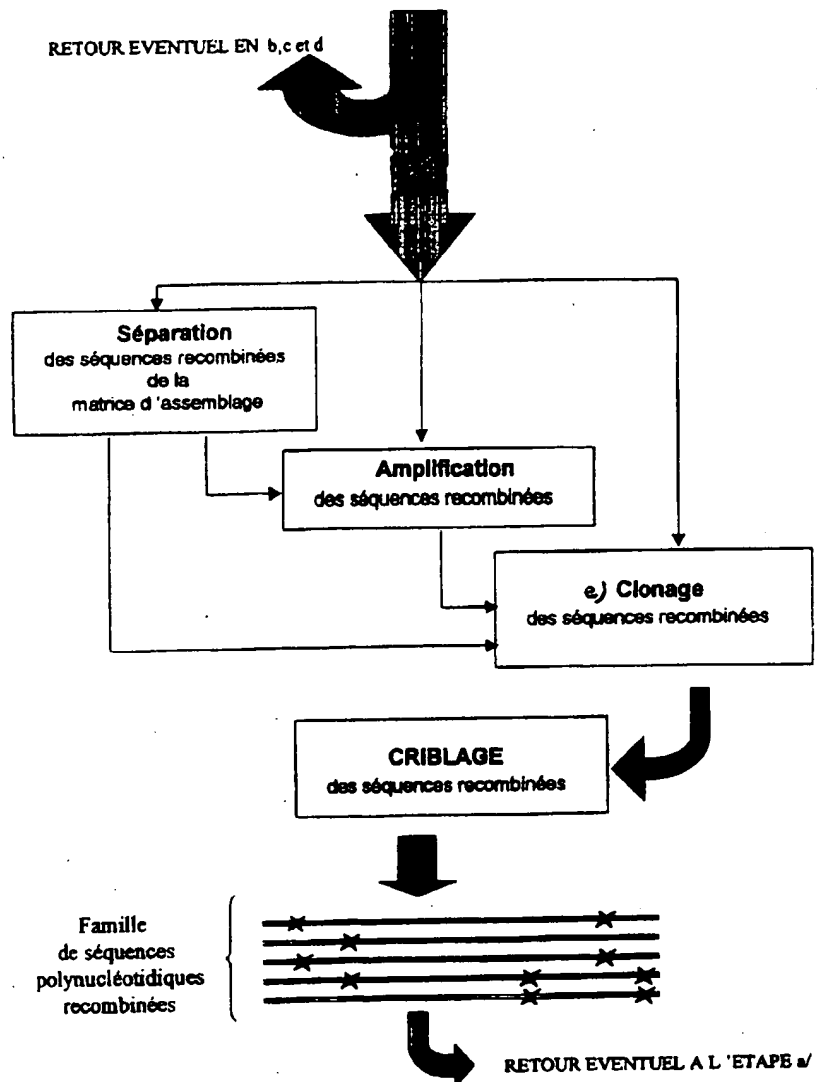


Fig.2 Suite2



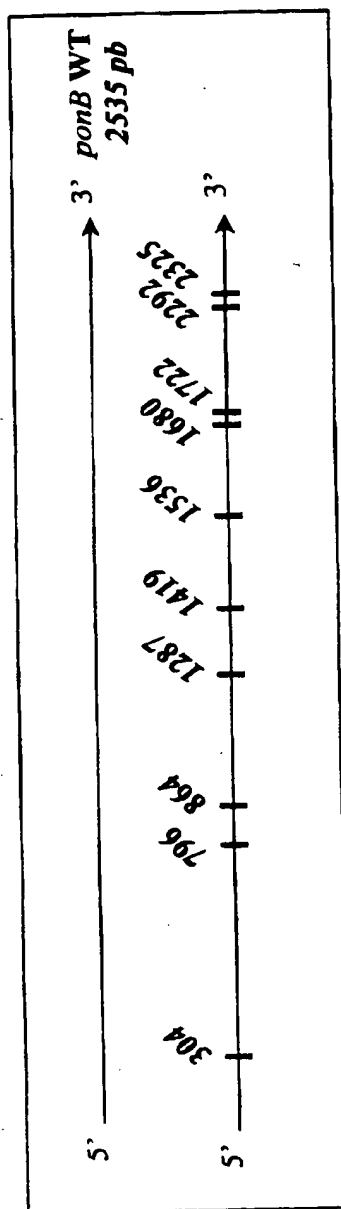


Figure 3. Position des dix zones de mutations (sites *Pvu* II et *Pst* I)

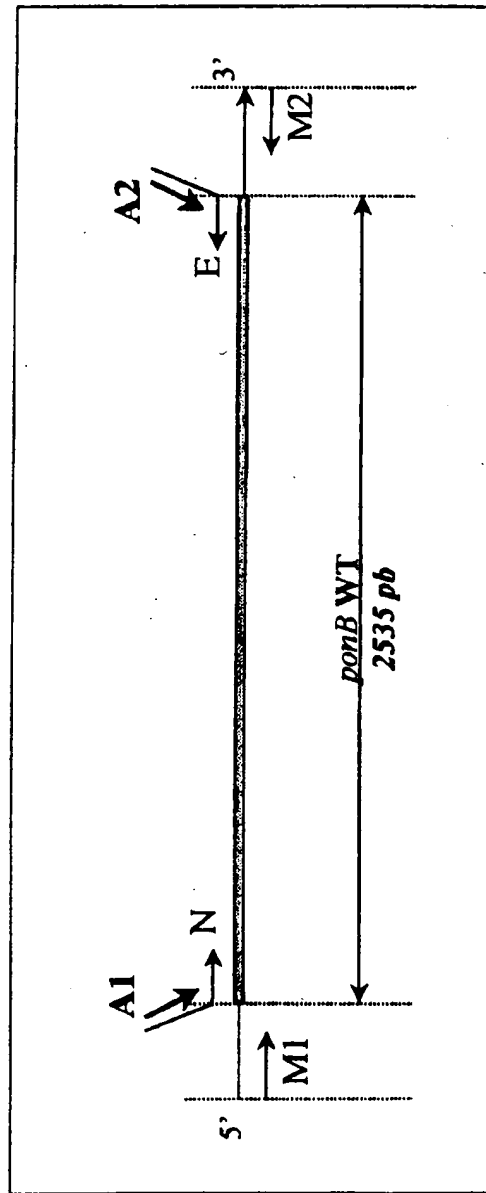


Figure 4 : Position des amorces utilisées par rapport à la séquence du gène *ponB*

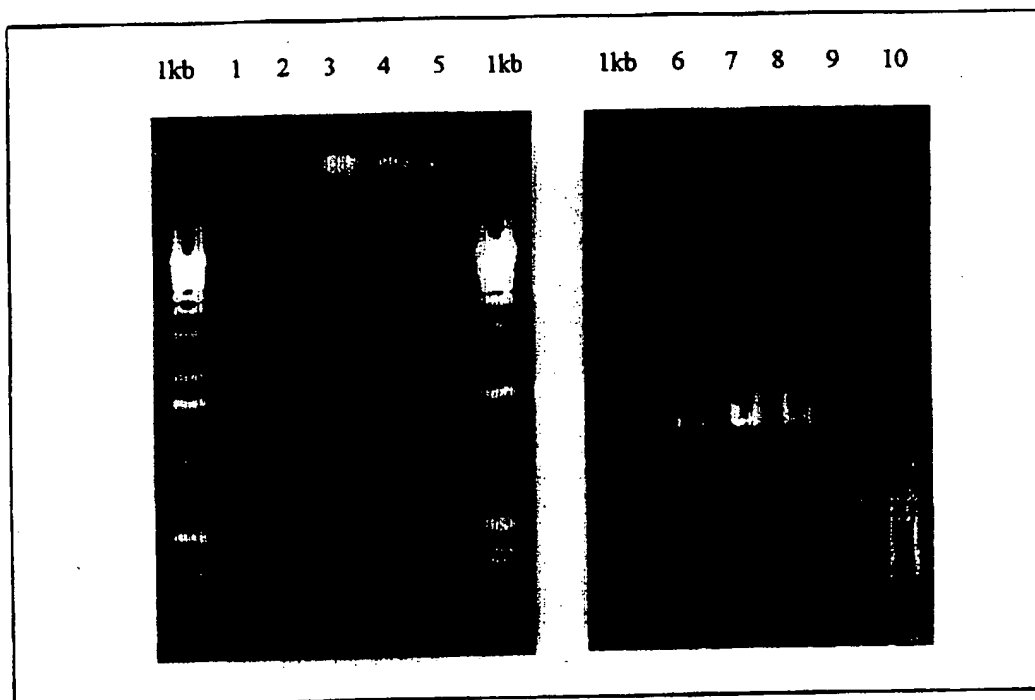


Figure 5 : Migration des réactions de RLR et des amplifications PCR de ces réactions

Pistes :

1/ RLR 1	6/ PCR RLR 1
2/ RLR 2	7/ PCR RLR 2
3/ RLR 3	8/ PCR RLR 3
4/ RLR 4	9/ PCR RLR 4
5/ Témoin RLR	10/ PCR Témoin RLR

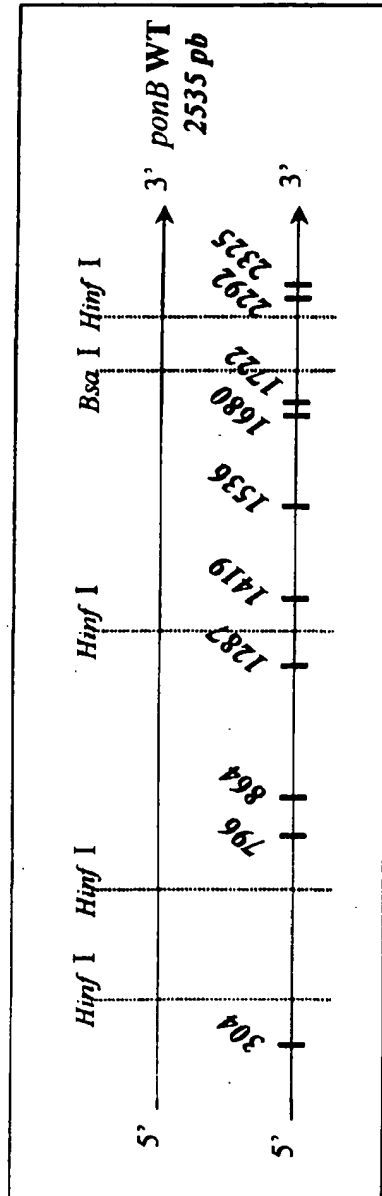


Figure 6 : Position des mutations par rapport aux fragments de restriction

REPUBLIQUE FRANÇAISE

2782323

INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

**RAPPORT DE RECHERCHE
PRELIMINAIRE**
établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FA 562908
FR 9810338

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
Y	STEMMER W P C: "DNA SHUFFLING BY RANDOM FRAGMENTATION AND REASSEMBLY: IN VITRO RECOMBINATION FOR MOLECULAR EVOLUTION" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, vol. 91, 1 octobre 1994, pages 10747-10751, XP002912215 * le document en entier *	1-26
Y	WO 98 27230 A (MAXYGEN INC ;PATTEN PHILLIP A (US); STEMMER WILLEM P C (US)) 25 juin 1998 * page 13, ligne 15 - page 15, ligne 21 *	1-26
Y	WO 98 15567 A (KONCZ CSABA ;SCHELL JEFF (DE); STRIZHOV NICOLAI (DE); VITALITY BIO) 16 avril 1998 * page 2, dernier alinéa - page 4 *	1-26
Y	WEISBERG E P ET AL: "SIMULTANEOUS MUTAGENESIS OF MULTIPLE SITES: APPLICATION OF THE LIGASE CHAIN REACTION USING PCR PRODUCTS INSTEAD OF OLIGONUCLEOTIDES" BIOTECHNIQUES, vol. 15, no. 1, 1 juillet 1993, pages 68-70, 72 - 74, XP000385832 * le document en entier *	1-26
Y	WO 98 32845 A (CRIPPS JOANNA E ;SOEDERLIND ULF HANS ESKIL (SE); BIOINVENT INT AB) 30 juillet 1998 * le document en entier *	1-26
-/--		
		DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int.CL.6)
		C12N C07K
Date d'achèvement de la recherche		Examineur
3 juin 1999		Van der Schaal. C
<p>CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES</p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou arrière-plan technologique général O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant</p>		

1

EPO FORM 1503 03.82 (P04C13)

2782323

REPUBLIQUE FRANÇAISE

INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

**RAPPORT DE RECHERCHE
PRELIMINAIRE**

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FA 562908
FR 9810338

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
D, A	<p>ZHAO H ET AL: "Molecular evolution by staggerd extension process (StEP) in vitro recombination" NATURE BIOTECHNOLOGY, vol. 16, mars 1998, pages 258-261, XP002104755 * le document en entier *</p>	
		<p>DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int.CL.6)</p>
<p>Date d'achèvement de la recherche</p> <p>3 juin 1999</p>		<p>Examineur</p> <p>Van der Schaal, C</p>
<p>CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES</p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou amène-plan technologique général O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant</p>		

1
EPO FORM 1503 03.92 (P04C13)